

Copyright (c) 1993-2002, Sequencer Ltd.

Sequence search, using SW model

Search time: 0.09 Seconds

(with all updates)

11874.197 Million cell updates/sec

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

Sequence: 11874.197

10 1541.5 45.4 1861 21 AA54414

11 1240.6 46.5 10494 22 AA13738

12 648.2 19.2 5783 17 AA11246

13 627.8 18.6 902 22 AA19406

14 604.2 17.9 4121 22 AA19406

15 576.8 17.1 777 22 AA19406

16 571.4 16.9 792 22 AA19406

17 514.8 15.3 647 22 AA52841

18 419.6 12.4 2840 22 AA58616

19 375 11.3 1411 22 AA52841

20 374 11.1 604 22 AA52841

21 282.8 8.4 764 20 AA58994

22 258 7.7 2298 24 AA58994

23 246.8 7.3 436 21 AA58994

24 217 6.4 422 22 AA58994

25 184 5.5 5946 22 AA13738

26 144.2 4.0 797 22 AA58994

27 88.8 2.6 415 23 AA13738

28 86.8 2.6 791 23 AA13738

29 80.4 2.4 216 20 AA58994

30 67.8 2.0 648 22 AA58994

31 67.8 2.0 648 22 AA58994

32 64.2 1.9 668 24 AA13738

33 63.2 1.9 641 24 AA13738

34 62.8 1.9 664 20 AA58994

35 62.8 1.9 732 20 AA58994

36 62.8 1.9 797 20 AA58994

37 62.8 1.9 797 20 AA58994

38 62.2 1.8 1400 24 AA13738

39 61 1.8 619 24 AA58994

40 61 1.8 619 24 AA58994

41 60.8 1.8 614 24 AA58994

42 58.6 1.8 286 24 AA58994

43 58.6 1.8 286 24 AA58994

44 58.6 1.8 286 24 AA58994

45 58.6 1.8 286 24 AA58994

46 58.6 1.8 286 24 AA58994

47 58.6 1.8 286 24 AA58994

48 58.6 1.8 286 24 AA58994

49 58.6 1.8 286 24 AA58994

50 58.6 1.8 286 24 AA58994

51 58.6 1.8 286 24 AA58994

52 58.6 1.8 286 24 AA58994

53 58.6 1.8 286 24 AA58994

54 58.6 1.8 286 24 AA58994

55 58.6 1.8 286 24 AA58994

56 58.6 1.8 286 24 AA58994

57 58.6 1.8 286 24 AA58994

58 58.6 1.8 286 24 AA58994

59 58.6 1.8 286 24 AA58994

60 58.6 1.8 286 24 AA58994

61 58.6 1.8 286 24 AA58994

62 58.6 1.8 286 24 AA58994

63 58.6 1.8 286 24 AA58994

64 58.6 1.8 286 24 AA58994

65 58.6 1.8 286 24 AA58994

66 58.6 1.8 286 24 AA58994

67 58.6 1.8 286 24 AA58994

68 58.6 1.8 286 24 AA58994

69 58.6 1.8 286 24 AA58994

70 58.6 1.8 286 24 AA58994

71 58.6 1.8 286 24 AA58994

72 58.6 1.8 286 24 AA58994

73 58.6 1.8 286 24 AA58994

74 58.6 1.8 286 24 AA58994

75 58.6 1.8 286 24 AA58994

DB 1501 TTTAATGAACCATATAAAATATTTGAAGAACAGTGTGAGAGCTTAAGAGCGGATACAGCTAAA 156

[illegible][illegible]

CC Using a new cloning technique, c-MYC (coding of receptor targets)
CC several new tyrosine kinase (TK) binding proteins were isolated. Growth
CC factor receptor bound proteins GFR-1, GFR-2, GFR-3, GFR-4, GFR-7 and
CC GFR-10 were isolated using this method. This sequence encodes GFR-1.
CC The proteins bind to a tyrosine phosphorylated domain of a catalytic
CC TK. GFR proteins can be used for screening agents which are capable
CC of modulating cell growth that occurs via signal transduction through
CC TKs. Such agents can be used to prevent or inhibit cell growth or to
CC counteract tumour development. GFR proteins are also useful for
CC identifying receptor inability to diseases associated with alterations in
CC cellular metabolism mediated by TK pathways e.g. cancer and diabetes.
XX
50 Sequence 4372 BP; 1110 A; 661 C; 716 G; 885 T; 0 other;

[illegible]

[illegible][illegible]

[illegible]

1013 ACAAATGGCTTACAAAATGGCAATGCTATGGGCAATATCTGACGAAATAGTGA 1072
11013 ACAAATGGCTTACAAAATGGCAATGCTATGGGCAATATCTGACGAAATAGTGA 269
1073 ATCAAAAATCTGAGATACGACGAGACGAGCTTTTGGTAAAGAGATGGTACTGAAA 1132
270 ATCAAAAATCTGAGATACGACGAGACGAGCTTTTGGTAAAGAGATGGTACTGAAA 329
1133 TGGATGGTATATACCTTACCTACCTAAGGAAAGGGGAAATACAAATTAACAAATAT 1192
330 TGGATGGTATATACCTTACCTACCTAAGGAAAGGGGAAATTAATTAATCAAAATAT 489
1193 TTGATGCAATAGGAAATATGGTTCTGATGACCTTAACCTTTCAGTCTGATGGTAAAT 1252
390 TTGATGCAATAGGAAATATGGTTCTGATGACCTTAACCTTTCAGTCTGATGGTAAAT 449
1253 TAATAAGCACTACCGCAATGCAATCTGATGATATATCTGAAATGGCAATG 1312
450 TAATAAGCACTACCGCAATGCAATCTGATGATATATCTGAAATGGCAATG 509
1313 TATTTATGCAATATGCAATATGCAACAGGATGAGTTGGTCAACAGATATATTAAG 1372
510 TATTTATGCAATATGCAATATGCAACAGGATGAGTTGGTCAACAGATATATTAAG 569
1373 CTGTAGGAAAAAATTTCATGATATACACCTGAGTTTCAGCAAAAAAGTGGAGATATG 1432
570 CTGTAGGAAAAAATTTCATGATATACACCTGAGTTTCAGCAAAAAAGTGGAGATATG 529
1433 ATAGATATATAGAGATATACCGGACATGCGGAGAAATCTGAAATGAAAGGACATTA 1492
630 ATAGATATATAGAGATATACCGGACATGCGGAGAAATCTGAAATGAAAGGACATTA 1589
1493 TTGAAGCTTTTATGAAACCAATAAATAATATTTGAAGAAATAGTGGCAAGAGAGCGT 1552
690 TTGAAGCTTTTATGAAACCAATAAATAATATTTGAAGAAATAGTGGCAAGAGAGCGT 749
1553 ACAGCAAAAGATATGATGAAAGAAATTTAAAGCGAGAGGAAATGAGAAATACAAAGGA 1612
750 ACAGCAAAAGATATGATGAAAGAAATTTAAAGCGAGAGGAAATGAGAAATACAAAGGA 809
1613 TTATGATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1672
810 TTATGATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 869
1673 GAT 1732
870 GAT 929
1733 ATAGCAATGAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1792
930 ATAGCAATGAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 989
1793 TACCTTAAAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1852
990 TACCTTAAAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1049
1853 AAGCAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1912
1050 AAGCAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1109
1913 GAT 1972
1110 GAT 1169
1973 GAT 2032
1170 GAT 1229
2033 ATAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2092
1230 ATAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1289
2093 ATAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2152

1290 CCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1349
2153 TCAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2212
1350 TCAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1409
2213 GAT 2272
1410 GAT 1469
2273 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2332
1470 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1529
2333 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2392
1530 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1589
2393 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2452
1590 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1649
2453 TCTTGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2512
1650 TCTTGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1709
2513 ATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2572
1710 ATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1769
2573 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2632
1770 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1829
2633 GAT 2692
1830 GAT 1889
2693 GAT 2752
1890 GAT 1949
2753 GAT 2812
1950 GAT 2909
2813 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2972
2010 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3029
2873 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2932
2070 AAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3029
2933 ATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2992
2130 ATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2189
2993 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3052
2190 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2249
3053 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3112
2250 TCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2409
3113 ATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3172
2310 ATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2369
3173 GAT 3232

[illegible][illegible]

[illegible][illegible]

Query Match:	45.4%;	Score 1531.6;	DB 21;	Length 1861;
Host Local Similarity:	99.7%;	Prod. No. 0;		
Matches 1534;	Conservative	0;	Mismatches	4;
			Indels	0;
			Gaps	0

[illegible][illegible]

[illegible]

Example 2, SIZ 10 No. 3703, 781pp. + Sequence List 1009, 1100150.

cc The invention relates to novel genes (AAI3409, AAI3406) and proteins (AAI34087, AAI34109) associated with the musculoskeletal system useful

protein or gene therapy. The genes are isolated from a range of human tissues disclosed in the specification. The *in vivo* acids, proteins,

and prevention of: (d) cancer, e.g., breast and ovarian cancer and

.....

T

FF	misc_feature	4887..4891	
PP	/sTag	+	
PP	/feature	+	postat10g mRNA destabilisation motif

